PERFIL DA MICROBIOTA FECAL DE CÃES COM DIFERENTES CONDIÇÕES CORPORAIS

CAMILLA M. M. SOUZA, TAÍS S. BASTOS; PAULO G. B DE CARVALHO; GISLAINE C. B. KAELLE; LORENA N. A. SANTOS; EDUARDA L. FERNANDES; ANANDA P. FÉLIX

Universidade Federal do Paraná, UFPR, Campus Ciências Agrárias
Contato: camillazootec@gmail.com

Resumo: Objetivou-se avaliar o perfil da microbiota fecal de cães com diferentes escores de condição corporal (ECC). Foram utilizados 16 cães adultos da raça Beagle, sendo 4 machos e 4 fêmeas no grupo de ECC ideal (ECC 4-5) e 4 machos e 4 fêmeas do grupo com sobrepeso ou obesos (ECC 6-8). Os animais foram alimentados durante 15 dias com uma dieta para manutenção de cães adultos. No 15º dia amostras de fezes foram coletadas e a composição bacteriana foi avaliada com base na sequência do 16S rRNA. Houve maior abundância relativa de gêneros de bactérias do filo Bacteroidetes (*Prevotella*), Firmicutes (*Blautia*, *Faecalibacterium*, *Eubacterium* e *Turicibacter*) e Tenericutes (*Allobaculum*) em animais com ECC ideal em comparação com os com sobrepeso/obesos (P<0,05). A condição corporal pode gerar alterações na diversidade bacteriana intestinal, com mudanças na abundância relativa dos principais filos e gêneros bacterianos de cães.
PalavrasChaves: disbiose; funcionalidade intestinal; microbioma; obesidade

PROFILE OF FECAL MICROBIOTA OF DOGS WITH DIFFERENT BODY CONDITIONS

Abstract: The objective of this study was to evaluate the profile of the fecal microbiota of dogs with different body condition scores (BCS). Sixteen adult Beagle dogs were used, 4 males and 4 females in the ideal BCS group (BCS 4-5) and 4 males and 4 females in the overweight or obese group (BCS 6-8). The animals were fed for 15 days with a maintenance diet to adult dogs. On the 15th day, stool samples were collected and the bacterial composition was evaluated based on the sequence of the 16S rRNA. There was a greater relative abundance of bacterial genera of the phylum Bacteroidetes (*Prevotella*), Firmicutes (*Blautia*, *Faecalibacterium*, *Eubacterium*, and *Turicibacter*) and Tenericutes (*Allobaculum*) in animals with ideal BCS compared to overweight/obese dogs (P<0.05). Body condition can generate changes in gut bacterial diversity with changes in the relative abundance of the main phyla and fecal bacterial genera of dogs.
Keywords: dysbiosis; intestinal functionality; microbiome; obesity

Introdução: A obesidade constitui um grande problema de saúde que acomete cães e gatos, tendo efeitos prejudiciais à longevidade desses animais. Estudos têm considerado que a microbiota intestinal pode afetar o metabolismo do controle de peso corporal do hospedeiro e sua homeostase energética (HANDL et al., 2013; EJTAHED et al., 2020). Assim, é possível que haja diferenças na composição da microbiota intestinal entre animais com condição corporal ideal e com sobrepeso/obesos. Isso levanta a questão de saber se alterar a microbiota pode modular o risco de obesidade ou se o conhecimento sobre a microbiota de um indivíduo pode ser usado para desenvolver dietas personalizadas para a prevenção dessa patologia. No entanto, informações sobre a avaliação do papel da microbiota fecal na obesidade canina são limitados. Neste contexto, foi objetivo deste estudo comparar o perfil da microbiota fecal de cães com diferentes condições corporais.

Material e Métodos: Foram utilizados 16 cães adultos da raça Beagle (5 anos de idade), sendo 4 machos e 4 fêmeas no grupo de ECC ideal (ECC 4-5, sendo 2 cães ECC 4 e 6 cães ECC 5, peso médio 10,99 ± 0,69 kg) e 4 machos e 4 fêmeas do grupo com sobrepeso ou obesos (ECC 6-8, sendo 2 cães ECC 6, 4 cães ECC 7 e 2 cães ECC 8, peso médio 14,61 ± 1,86 kg). Os animais com sobrepeso/obesos não foram engordados propositalmente para esse estudo. Os animais foram alimentados durante 15 dias com uma dieta seca comercial para manutenção de cães adultos (Proteína bruta:19,48%; Extrato etéreo em hidrólise ácida: 15,68%; Matéria mineral: 6,84%; Fibra bruta: 1,84%; Cálcio: 1,0%; Fósforo: 0,53% e Energia bruta: 4,91 kcal/kg), a qual atendeu as recomendações da FEDIAF (2016). As quantidades de alimento fornecidas foram calculadas para manter o peso dos cães. Para a avaliação da microbiota intestinal, no último dia experimental foram coletadas aproximadamente 2 g de fezes após defecação espontânea e imediatamente alocadas em potes estéreis individuas e armazenadas em freezer a -80°C. A análise de microbiota fecal foi realizada por meio de sequenciamento do gene 16S do rRNA. Foi realizada análise de diversidade de Shannon e análise dos componentes principais (PCoA) pelo índice Chao-1 de diversidade. Os filos e gêneros bacterianos com presença acima de 1% foram submetidos ao teste t-Student (P<0,05).

Resultado e Discussão: Foram identificados 141 gêneros bacterianos. Não houve diferença no índice de diversidade de Shannon (P>0,05), concordando com Handl et al (2013) e Salas et al. (2018) em estudo com cães. A maioria dos cães do grupo com sobrepeso/obeso estavam apenas com sobrepeso e mesmo assim foram detectadas diferenças na microbiota, em relação ao grupo de ECC ideal (Tabelas 1 e 2). Uma clara diferenciação das comunidades bacterianas entre os tratamentos foi observada pelo PCA (Figura 1), no qual a condição corporal explica 63,64% da variação dos dados. No grupo sobrepeso/obeso uma abundância relativa maior foi constatada nos filos Actinobacteria e Proteobacteria (P<0,05), semelhante ao observado por Park et al. (2015), em estudo com essa mesma espécie. A maior abundância relativa de gêneros de bactérias do filo Bacteroidetes (*Prevotella*), Firmicutes (*Blautia*, *Faecalibacterium*, *Eubacterium* e *Turicibacter*) e Tenericutes *(Allobaculum*) em animais com ECC ideal pode ser um indicativo positivo de funcionalidade intestinal (SALAS et al., 2018). O *Faecalibacterium* é considerado um marcador de monitoramento da melhora da disbiose intestinal e os gêneros do filo Bacteroides, como *Prevotella*, são considerados os maiores produtores de ácidos graxos de cadeia curta (AGCC) no intestino (RIOS-COVIAN et al., 2017). Apesar dos resultados interessantes, este estudo apresenta limitações em relação pequeno

número de animais avaliados

Tabela 1 - Médias e desvio padrão (DP) da frequência relativa (%) dos principais filos de bactérias presentes nas fezes de cães com condição corporal ideal ou com sobrepeso/obesos.

Filo	Ideal		Sobrepeso/Obeso		P
	Média	DP	Média	DP	
Actinobacteria	20,77	10,83	31,35	4,93	0,017
Bacteroidetes	8,20	1,61	7,39	2,49	0,428
Firmicutes	64,15	10,01	56,89	4,37	0,065
Fusobacteria	1,14	0,49	1,87	1,2	0,113
Proteobacteria	0,39	0,16	0,61	0,25	0,043
Outros	5,35	0,01	1,89	0,01	0,137

P<0,05 pelo teste t-Student

Tabela 2 - Médias e desvio padrão (DP) da frequência relativa (%) dos principais gêneros de bactérias presentes nas fezes de cães com condição corporal ideal ou com sobrepeso/obesos

Gêneros	Ideal		Sobrepeso/Obeso		P
	Média	DP	Média	DP	
Allobaculum	0,78	0,18	0,47	0,28	0,012
Bifidobacterium	19,48	6,21	30,58	4,95	0,016
Blautia	6,80	3,32	4,11	1,08	0,034
Clostridium	0,49	0,48	0,92	0,44	0,073
Eubacterium	3,63	1,30	2,00	0,76	0,005
Faecalibacterium	2,11	0,87	1,33	0,41	0,028
Lactobacillus	16,32	6,47	24,87	5,71	0,009
Prevotella	5,49	1,77	3,73	1,20	0,025
Turicibacter	8,14	2,88	5,64	1,75	0,041

P<0,05 pelo teste t-Student

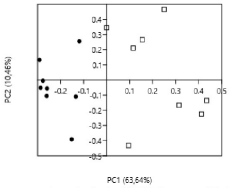


Figura 1 - Análise dos componentes principais (PCA) da comunidade bacteriana presente nas fezes de cães com condição corporal ideal ou com sobrepeso/obeso. A condição corporal explica 63,64% da variação dos dados. (Quadrado: ideal; Círculo: sobrepeso/obeso)

Conclusão: A condição corporal parece gerar alterações importantes no perfil da microbiota intestinal de cães, com mudanças na abundância relativa de gêneros bacterianos relacionados à funcionalidade intestinal, como aumento nas concentrações de *Bifidobacterium* e *Lactobacillus* e redução de *Allobacullum*, *Blautia* e *Faecalibacterium* nos animais com sobrepeso/obesos

Referências Bibliográficas: FEDIAF – The European Pet Food Industry Federation. 2016. Nutritional guidelines for 425 complete and complementary pet food for cats and dogs. Bruxelas, Belgian: The European 426 Pet Food Industry Federation.HANDL, S., GERMAN, A.J., HOLDEN, S.L., DOWD, S. E., STEINER, J.M., HEILMANN, R.M., GRANT, R.W., SWANSON, K.S., SUCHODOLSKI, J.S. Faecal microbiota in lean and obese dogs. **FEMS Microbiology Ecology**, v. 8, n. 2, p. 332–343, 2013.EJTAHED, H.S., ANGOORANI, P., POROUS, A.R., HASANI-RANJBAR, S., SIADAT, S.D., LARIJANI, B. Gut microbiota-derived metabolites in obesity: a systematic review. **Bioscience of Microbiota, Food and Health**, v. 3, n. 3, p. 65–76, 2020.PARK, H.J., LEE, S.E., KIM, H.B., ISAACSON, R.E., SEO, K.W., SONG, K.H. Association of obesity with serum leptin, adiponectin, and serotonin and gut microflora in beagle dogs. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, v. 29, n. 1, p. 43-50, 2015.SALAS-MANI, A., JEUSETTE, I., CASTILLO, I., MANUELIAN, C.L., LIONNET, C., IRACULIS, N.TORRE, C. Fecal microbiota composition changes after a BW loss diet in beagle dogs. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 8, p. 3102-3111, 2018.RIOS-COVIAN, D., SALAZAR, N., GUEIMONDE, M., REYES-GAVILAN, C. Shaping the Metabolism of Intestinal Bacteroides Population through Diet to Improve Human Health. **Frontiers in Microbiology**, v. 8, p. 376, 2017.